

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international



(43) Date de la publication internationale
8 février 2001 (08.02.2001)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 01/09356 A1

(51) Classification internationale des brevets⁷: C12N 15/82,
C07K 14/415, A01H 5/00

Xavier [FR/FR]; 22, allée du Plessis, F-35650 Moigne le
Rheu (FR).

(21) Numéro de la demande internationale:
PCT/FR00/02216

(74) Mandataires: VIALLE-PRESLES, Marie-José etc.;
Cabinet Orès, 6, avenue de Messine, F-75008 Paris (FR).

(22) Date de dépôt international: 2 août 2000 (02.08.2000)

(81) États désignés (*national*): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE,
DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,
ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS,
LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO,
NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR,
TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(25) Langue de dépôt: français

(26) Langue de publication: français

(30) Données relatives à la priorité:
99/10023 2 août 1999 (02.08.1999) FR

(84) États désignés (*régional*): brevet ARIPO (GH, GM, KE,
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), brevet eurasien
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU,
MC, NL, PT, SE), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM,
GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(71) Déposant (*pour tous les États désignés sauf US*):
INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE
AGRONOMIQUE (INRA) [FR/FR]; 147, rue de l'Uni-
versité, F-75007 Paris (FR).

Publiée:

- Avec rapport de recherche internationale.
- Avant l'expiration du délai prévu pour la modification des
revendications, sera republiée si des modifications sont
requises.

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (*pour US seulement*): RENARD,
Michel [FR/FR]; 9, avenue du Stade, F-35650 Le Rheu
(FR). DELOURME, Régine [FR/FR]; 36, rue de Rennes,
F-35590 L'Hermitage (FR). BARRET, Pierre [FR/FR];
99, avenue de la Libération, F-63000 Clermont-Ferrand
(FR). BRUNEL, Dominique [FR/FR]; 61, rue de Lyon,
F-75012 Paris (FR). FROGER, Nicole [FR/FR]; 15, villa
de l'Epi d'Or, F-78210 Saint-Cyr-l'Ecole (FR). TANGUY,

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrégia-
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de
la Gazette du PCT.

(54) Title: MUTANT GENE OF THE GRAS FAMILY AND PLANTS WITH REDUCED DEVELOPMENT CONTAINING SAID
MUTANT GENE

(54) Titre: GENE MUTANT DE LA FAMILLE GRAS, ET PLANTES A DEVELOPPEMENT REDUIT COMPRENANT LEDIT
GENE

(57) Abstract: The invention concerns a mutant gene coding for a plant protein of the GRAS family modified at the following
sequence (I): Gly Tyr X₁ Val Glu Glu wherein X₁ represents arginine or asparagine, and plants with reduced development expressing
said mutant gene.

(57) Abrégé: L'invention est relative à un gène mutant codant une protéine végétale de la famille GRAS modifiée au niveau de
la séquence (I) suivante: Gly Tyr X₁ Val Glu Glu dans laquelle X₁ représente l'arginine ou l'asparagine, ainsi qu'à des plantes à
développement réduit exprimant ledit gène mutant.

WO 01/09356 A1

THIS PAGE BLANK (USPTO)

GENE MUTANT DE LA FAMILLE GRAS, ET PLANTES A DEVELOPPEMENT REDUIT COMPRENANT LEDIT GENE.

L'invention est relative à l'obtention de végétaux à développement réduit, et notamment de
5 crucifères.

L'emploi de plantes naines dans le cadre des productions agricoles présente de nombreux avantages ; par exemple, chez les céréales, l'utilisation de plantes mutantes à paille courte a permis d'obtenir des cultures
10 tolérant des quantités importantes d'engrais azotés, moins affectées par les conditions climatiques, et notamment plus résistantes à la verse que les plantes de taille normale. En outre, la petite taille des plantes facilite l'entretien des cultures, notamment l'application des traitements
15 phytosanitaires, ainsi que leur récolte.

Des mutants nains de végétaux autres que les céréales ont également été décrits dans la littérature. On mentionnera en particulier ci-après des mutants présentant des caractéristiques similaires à celles induites par une
20 déficience en gibbérellines, et insensibles à l'apport de gibbérellines exogènes. De tels mutants ont notamment été décrits chez *Arabidopsis* [KOORNNEEF et al., *Physiol. Plant.*, 65, 33-39, (1985)]. Ces mutants, dénommés *gai* (pour Gibberellic Acid Insensitive) ont une taille réduite et ne
25 répondent pas aux applications exogènes de gibbérellines. La mutation *gai* est une mutation du type « gain de fonction », semi-dominante. Les mutants hétérozygotes *GAI/gai* ont un phénotype intermédiaire entre celui des mutants nains *gai/gai* et des plantes sauvages *GAI/Gai*.

30 Des mutants présentant les mêmes caractéristiques que les mutants *gai* d'*Arabidopsis* ont été décrits par ZANEWICH et al. [*J. Plant Growth Regul.*, 10, 121-127, (1991)], chez *Brassica napus* (mutation *dwf1*) et *Brassica rapa* (mutations dénommées *dwf1* et *dwf2*).

35 L'équipe des Inventeurs a obtenu un mutant nain de *B. rapa* [FOISSET et al., *Theor. Appl. Genet.*, 91, 756-

761, (1995)]. La mutation, dénommée *bzh* présente des caractéristiques de « semi-dominance » et d'insensibilité aux gibbérellines similaires à celles de la mutation *gai*.

Une lignée de colza dénommée ISN1770, homozygote pour l'allèle mutant *bzh*, a fait l'objet d'un Certificat d'Obtention Végétale, déposé le 18 mai 1998, auprès du CPOV (11 rue Jean Nicaud, 75007 PARIS) sous la référence 10751. Un hybride de colza, dénommé « LUTIN » (B017), et comprenant dans son génome l'allèle mutant *bzh* sous forme hétérozygote a été proposé à l'inscription au Catalogue Français des Obtentions Végétales le 31 juillet 1999, sous la référence 072426.

Le gène *GAI* d'*Arabidopsis* a récemment été cloné et séquencé [PENG et al., Genes and development, 11, 3194-3205, (1997) ; Demande PCT WO 97/29123 au nom de JOHN INNES CENTRE INNOVATIONS LTD]. Ce gène code pour une protéine (*GAI*) de 532 aa. L'allèle *gai*, responsable du nanisme, contient une délétion de 51 paires de bases en phase avec le cadre de lecture, qui conduit à l'absence de 17 aa situés près de l'extrémité N-terminale de la protéine *GAI*. La protéine *GAI* est impliquée dans la perception et la réponse aux gibbérellines, et agirait chez les plantes sauvages, comme un régulateur négatif de l'élongation cellulaire en absence de gibbérellines.

La comparaison de la séquence de *GAI* avec celle des produits de traduction d'autres gènes connus a permis de la rattacher à la famille dénommée GRAS [PYSH et al., The Plant Journal, 18(1), 11-119, (1999)] ou VHIID [SCHUMACHER et al., P.N.A.S., 96, 1, 290-295, (1999)].

Cette famille englobe, outre *GAI*, les gènes *RGA* (SILVESTRONE et al., Genetics, 146, 1087-1099, (1998)], et *SCARECROW* [DI LAURENZIO et al., Cell, 86, 423-433, (1996)] d'*Arabidopsis*, ainsi que le gène *LS* (Lateral suppressor) de la Tomate [SHUMACHER et al., P.N.A.S., 96, 1, 290-295, (1999)]. A l'heure actuelle, une vingtaine de gènes

rattachés à la famille GRAS ont été identifiés chez *Arabidopsis*.

Les protéines constituant la famille GRAS présentent une partie N-terminale très variable et une
5 partie C-terminale très conservée avec cinq motifs reconnaissables, notamment le motif VHIID.

Les fonctions biologiques de la plupart de ces protéines ne sont pas encore précisément connues mais leur rôle comme facteurs de transcription est fortement supposé.
10 Les travaux effectués sur les 4 gènes les mieux étudiés à l'heure actuelle (*SCR*, *GAI*, *RGA* et *LS*) montrent que ces gènes codent des facteurs de transcription impliqués dans le contrôle de la perception et de la réponse aux gibbérellines, et indiquent l'importance probable de cette
15 famille sur le contrôle de la morphogénèse et du développement des plantes supérieures.

Les Inventeurs ont maintenant caractérisé et séquencé le gène *BZH* de *B. napus*, et son allèle mutant *bzh*, associé au phénotype nain précédemment observé par FOISSET
20 et al. (1995, publication précitée).

La séquence du gène *BZH* sauvage est représentée dans la liste de séquences en annexe sous le numéro SEQ ID NO: 1, et la séquence de son produit de traduction est représentée sous le numéro SEQ ID NO: 2. La séquence de
25 l'allèle mutant *bzh* est représentée dans la liste de séquences en annexe sous le numéro SEQ ID NO: 3, et la séquence de son produit de traduction est représentée sous le numéro SEQ ID NO: 4.

La portion codante du gène *BZH* est de 1716 pbs
30 et la protéine correspondante est de 572 acides aminés.

L'analyse des séquences du gène *BZH* et de son produit de traduction permet de le rattacher à la famille GRAS, et notamment au sous-groupe comprenant *GAI*, *RGA* et *RGA-like*. L'alignement des séquences polypeptidiques
35 déduites des gènes *BZH* avec d'autres gènes de la famille

GRAS, à savoir les gènes *GAI*, *RGA*, *RGA-LIKE*, *SCARECROW* et *LS*, est représenté sur la Figure 1.

L'analyse des séquences de l'allèle mutant *bzh* et de son produit de traduction montre que la mutation *bzh* est une substitution $G \rightarrow A$ en position 1695 de la séquence codante. Elle conduit à un changement d'acide aminé acide glutamique \rightarrow Lysine en position 546 de la séquence polypeptidique.

De manière surprenante, la mutation *bzh* est totalement différente de la mutation *gai* d'*Arabidopsis*. En particulier, alors que la mutation *gai* d'*Arabidopsis* affecte une région située dans la portion N-terminale de la protéine *GAI*, la mutation *bzh* affecte une région située dans la portion C-terminale de la protéine *BZH*.

La présente invention a pour objet une séquence d'acide nucléique obtenue par mutation d'une séquence codant une protéine végétale de la famille GRAS comprenant la séquence peptidique (I) suivante :

Gly Tyr X_1 Val Glu Glu (I)

dans laquelle X_1 représente l'arginine ou l'asparagine, caractérisée en ce que ladite mutation résulte en une modification de ladite séquence (I).

Par « modification de la séquence (I) » on entend notamment la substitution d'un ou plusieurs acides aminés de ladite séquence, l'insertion d'un ou plusieurs acides aminés à l'intérieur de cette séquence, ou la délétion de tout ou partie de ladite séquence.

Des protéines végétales de la famille GRAS comprenant la séquence peptidique (I) sont notamment les protéines *BZH* du colza, ainsi que les protéines des sous-familles *GAI* ou *RGA* décrites ci-dessus.

Selon un mode de réalisation préféré d'une séquence d'acide nucléique conforme à la présente invention, elle code une protéine mutante comprenant la séquence peptidique (II) suivante

Gly Tyr X_1 Val Glu X_2 (II)

dans laquelle X_1 est tel que défini ci-dessus, et X_2 représente un acide aminé autre que l'acide glutamique. Avantageusement, X_2 représente un acide aminé basique, de préférence une lysine.

5 L'invention englobe notamment les séquences d'acide nucléique codant le polypeptide représenté dans la liste de séquence en annexe sous le numéro SEQ ID NO: 4, par exemple la séquence de l'allèle mutant *bzh* qui est représentée dans la liste de séquences en annexe sous le
10 numéro SEQ ID NO:3.

L'invention a également pour objet des plantes à développement réduit comprenant une ou plusieurs copies d'une séquence d'acide nucléique conforme à l'invention.

Ceci englobe en particulier :

- 15 - des plantes mutantes obtenues à partir de plantes sauvages par les techniques classiques de mutagenèse, par exemple en traitant des semences par un agent mutagène physique ou chimique, en sélectionnant parmi les plantes issues des semences traitées, les plantes
20 présentant un nanisme insensible aux gibbérellines, et en recherchant parmi celles-ci, par des techniques classiques de détection d'hybridation des acides nucléiques, celles qui présentent une mutation au niveau de la séquence d'acide nucléique codant la séquence
25 peptidique (I). On peut également introduire la mutation souhaitée dans un fragment préalablement cloné du gène concerné, et réinsérer la séquence mutée dans le gène original en remplacement de l'ADN sauvage correspondant ;
- 30 - des plantes transgéniques obtenues par transgenèse d'une plante hôte avec une séquence d'acide nucléique conforme à l'invention ;
- les descendants, pouvant être obtenus par reproduction sexuée ou multiplication végétative, des plantes
35 mutantes ou des plantes transgéniques mentionnées ci-dessus.

Avantageusement, des plantes conformes à l'invention sont des crucifères, et en particulier des brassicacées, telles par exemple que le colza, le chou, la navette, la moutarde brune, ou la moutarde d'Ethiopie.

5 Les plantes exprimant une séquence d'acide nucléique conforme à l'invention présentent, par rapport aux plantes sauvages, une réduction de taille plus ou moins importante selon le niveau d'expression dans ladite plante de la séquence d'acide nucléique conforme à l'invention. Ce
10 niveau d'expression dépend en particulier du nombre de copies de la séquence. Par exemple, dans le cas du colza, les plants hétérozygotes *BZH/bzh* ont une taille intermédiaire entre celle des plants nains homozygotes *bzh/bzh* et celle des plants sauvages *BZH/BZH*.

15 Les plantes conformes à l'invention présentent, notamment dans le cas du colza, les avantages suivants :
- possibilité de semis très précoces, permettant l'assimilation des nitrates, sans risque d'élongation de la tige avant l'hiver ;
20 - meilleure résistance au froid ;
- meilleur suivi de la culture, du fait d'une taille plus courte facilitant les traitements phytosanitaires ;
- très bonne résistance à la verse ;
- facilité de la récolte.

25 La présente invention sera mieux comprise à l'aide du complément de description qui va suivre, qui se réfère à des exemples non limitatifs décrivant la caractérisation du gène *BZH* de colza, et d'une séquence conforme à l'invention dérivée dudit gène.

30 **EXEMPLE 1 : CARACTERISATION ET SEQUENÇAGE DU GENE *BZH* SAUVAGE ET DU GENE MUTANT *bzh*:**

Le gène *BZH* a été isolé sur un fragment d'ADN de 2352 paires de bases obtenu à partir de la lignée de colza « STELLAR ». Ce fragment contient une séquence
35 codante de 1716 pbs, et la séquence polypeptidique déduite est de 572 acides aminés. La séquence codante et la

séquence polypeptidique déduite sont respectivement représentées sur la liste de séquence en annexe sous les numéros SEQ ID NO: 1 et 2.

Pour comparer la séquence du gène sauvage et de l'allèle mutant *bzh*, 5 lignées ont été étudiées: PRIMOR sauvage (PS), PRIMOR nain (PN), DARMOR sauvage (DS), DARMOR nain (DN) et STELLAR sauvage (STE).

Les fragments d'ADN correspondant au locus BZH ont été amplifiés sur ces lignées, à l'aide d'amorces dérivées de la séquence du SEQ ID NO: 1.

La comparaison des séquences des produits d'amplification obtenus a permis d'établir que la seule différence commune à PRIMOR nain et DARMOR nain par rapport aux génotypes sauvages est une substitution G → A en position 1695 de la séquence codante. Cette substitution conduit à un changement d'acide aminé Glu→Lys en position 546 de la séquence peptidique.

La séquence codante portée par le fragment d'acide nucléique amplifié à partir de la lignée primur nain, et la séquence peptidique correspondante sont respectivement représentées dans la liste de séquences en annexe sous les numéros SEQ ID NO: 3 et 4.

EXEMPLE 2 : DETECTION DE L'ALLELE MUTANT *bzh* CHEZ DES PLANTES NAINES.

49 lignées issues du croisement : DARMOR nain X YUDAL, ainsi que les couples de lignées isogéniques [sauvage]/[*bzh*] suivants : ISL1770/ISN1770, DOUBLLOL/DOUBLLOL-Bzh, GASPARD/GASPARD-Bzh, TAPIDOR/TAPIDOR-Bzh, ont été analysées par amplification PCR d'une région de 400 pb environ de la séquence codante, correspondant à la portion C-terminale de la protéine, et électrophorèse sur gel de polyacrylamide des produits d'amplification.

Les lignées de phénotype « nain » présentaient sur le gel une bande caractéristique de la présence de la substitution G → A.

REVENDECATIONS

1) Séquence d'acide nucléique obtenue par mutation d'une séquence codant une protéine végétale de la famille GRAS comprenant la séquence peptidique (I) suivante :

Gly Tyr X₁ Val Glu Glu (I)

dans laquelle X₁ représente l'arginine ou l'asparagine, caractérisée en ce que ladite mutation résulte en une modification de ladite séquence (I).

2) Séquence d'acide nucléique selon la revendication 1, caractérisée en ce qu'elle code une protéine mutante comprenant la séquence peptidique (II) suivante

Gly Tyr X₁ Val Glu X₂ (II)

dans laquelle X₁ est tel que défini ci-dessus, et X₂ représente un acide aminé autre que l'acide glutamique.

3) Séquence d'acide nucléique selon la revendication 2, caractérisée en ce que X₂ représente un acide aminé basique, de préférence une lysine.

4) Séquence d'acide nucléique selon la revendication 3, caractérisée en ce qu'elle code le polypeptide représenté dans la liste de séquences en annexe sous le numéro SEQ ID NO: 4

5) Plante à développement réduit comprenant une ou plusieurs copies d'une séquence d'acide nucléique selon une quelconque des revendications 1 à 4.

6) Plante selon la revendication 5 caractérisée en ce qu'il s'agit d'une crucifère.

7) Plante selon la revendication 6, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une Brassicacée.

8) Plante selon la revendication 7, choisie parmi le colza, le chou, la navette, la moutarde brune, et la moutarde d'Ethiopie.

LISTE DE SEQUENCES

<110> INRA
 RENARD, Michel
 DELOURME, Régine
 BARRET, Pierre
 BRUNEL, Dominique
 FROGER, Nicole
 TANGUY, Xavier

<120> GENE MUTANT DE LA FAMILLE GRAS, ET PLANTES A
 DEVELOPPEMENT REDUIT COMPRENANT LEDIT GENE

<130> MJPcb539/95

<140>
 <141>

<150> FR 9910023
 <151> 1999-08-02

<160> 4

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1
 <211> 1779
 <212> ADN
 <213> Brassica napus

<220>
 <221> CDS
 <222> (60)..(1778)

<400> 1
 caaccagaa caaaaccaga ccgatctgag agattaacta tatcttaacc agatcagaa 59

atg aag agg gat ctt cat cag ttc caa ggt ccc aac cac ggg aca tca 107
 Met Lys Arg Asp Leu His Gln Phe Gln Gly Pro Asn His Gly Thr Ser
 1 5 10 15

atc gcc ggt tct tcc act tct tcc cct gcg gtg ttt ggt aaa gac aag 155
 Ile Ala Gly Ser Ser Thr Ser Ser Pro Ala Val Phe Gly Lys Asp Lys
 20 25 30

atg atg atg gtc aaa gaa gaa gaa gac gac gag ctt cta gga gtc ttg 203
 Met Met Met Val Lys Glu Glu Glu Asp Asp Glu Leu Leu Gly Val Leu
 35 40 45

ggg tac aag gtt agg tct tcg gag atg gct gag gtt gcg ttg aaa ctc 251
 Gly Tyr Lys Val Arg Ser Ser Glu Met Ala Glu Val Ala Leu Lys Leu
 50 55 60

gag cag ctt gag acg atg atg ggt aac gct caa gaa gac ggt tta gct 299
 Glu Gln Leu Glu Thr Met Met Gly Asn Ala Gln Glu Asp Gly Leu Ala
 65 70 75 80

cac ctc gcg acg gat act gtt cat tac aac ccc gct gag ctt tac tcg 347
 His Leu Ala Thr Asp Thr Val His Tyr Asn Pro Ala Glu Leu Tyr Ser
 85 90 95

THIS PAGE BLANK (USPTO)

tgg ctt gat aac atg ctc acg gag ctt aac cca ccc gct gca acg acc	395
Trp Leu Asp Asn Met Leu Thr Glu Leu Asn Pro Pro Ala Ala Thr Thr	
100 105 110	
gga tct aac gct ttg aac ccg gag att aat aat aat aat aat aac tcg	443
Gly Ser Asn Ala Leu Asn Pro Glu Ile Asn Asn Asn Asn Asn Asn Ser	
115 120 125	
ttt ttc acc gga ggc gac ctc aaa gcg att cct gga aac gcg gtt tgt	491
Phe Phe Thr Gly Gly Asp Leu Lys Ala Ile Pro Gly Asn Ala Val Cys	
130 135 140	
cgc aga tct aat cag ttc gcg ttt gcg gtt gat tcg tcg agt aat aag	539
Arg Arg Ser Asn Gln Phe Ala Phe Ala Val Asp Ser Ser Ser Asn Lys	
145 150 155 160	
cgt ttg aaa ccg tcc tcg agc cct gat tcg atg gtt aca tct cca tca	587
Arg Leu Lys Pro Ser Ser Ser Pro Asp Ser Met Val Thr Ser Pro Ser	
165 170 175	
cct gct gga gtt ata gga acg acg gtt aca acc gtg acc gag tca act	635
Pro Ala Gly Val Ile Gly Thr Thr Val Thr Thr Val Thr Glu Ser Thr	
180 185 190	
cgt cct tta atc ctg gtc gac tcg cag gac aac gga gtg cgt cta gtc	683
Arg Pro Leu Ile Leu Val Asp Ser Gln Asp Asn Gly Val Arg Leu Val	
195 200 205	
cac gcg ctt atg gcc tgc gct gaa gcc gtg cag agc agc aac ttg act	731
His Ala Leu Met Ala Cys Ala Glu Ala Val Gln Ser Ser Asn Leu Thr	
210 215 220	
cta gcg gag gct ctc gtt aag cag att ggt ttc ttg gcc gtc tct caa	779
Leu Ala Glu Ala Leu Val Lys Gln Ile Gly Phe Leu Ala Val Ser Gln	
225 230 235 240	
gcc gga gcc atg agg aaa gtc gcc acg tac ttc gcc gaa gct ctc gcg	827
Ala Gly Ala Met Arg Lys Val Ala Thr Tyr Phe Ala Glu Ala Leu Ala	
245 250 255	
cgg agg atc tac cgc ctc tct ccg ccg cag acg cag atc gat cac tct	875
Arg Arg Ile Tyr Arg Leu Ser Pro Pro Gln Thr Gln Ile Asp His Ser	
260 265 270	
tta tcc gat act ctc cag atg cac ttc tac gag act tgc cct tac ctc	923
Leu Ser Asp Thr Leu Gln Met His Phe Tyr Glu Thr Cys Pro Tyr Leu	
275 280 285	
aag ttc gct cac ttc acg gcg aat cag gcg att ctc gag gct ttc gaa	971
Lys Phe Ala His Phe Thr Ala Asn Gln Ala Ile Leu Glu Ala Phe Glu	
290 295 300	
ggg aag aag aga gtc cac gtc atc gat ttc tcg atg aac caa ggg ctt	1019
Gly Lys Lys Arg Val His Val Ile Asp Phe Ser Met Asn Gln Gly Leu	
305 310 315 320	
cag tgg ccc gcg ctt atg caa gcc ctt gcg ttg agg gaa gga ggt cct	1067
Gln Trp Pro Ala Leu Met Gln Ala Leu Ala Leu Arg Glu Gly Gly Pro	
325 330 335	

THIS PAGE BLANK (USPTO)

ccg agt ttc agg tta acc gga att ggt cct ccc gcg gcg gat aac tcc	1115
Pro Ser Phe Arg Leu Thr Gly Ile Gly Pro Pro Ala Ala Asp Asn Ser	
340 345 350	
gat cat ctc cat gaa gtt gga tgt aag ttg gct cag ctc gcg gag gcg	1163
Asp His Leu His Glu Val Gly Cys Lys Leu Ala Gln Leu Ala Glu Ala	
355 360 365	
att cac gtc gag ttt gag tat cgt ggc ttt gtt gct aat agc tta gct	1211
Ile His Val Glu Phe Glu Tyr Arg Gly Phe Val Ala Asn Ser Leu Ala	
370 375 380	
gat ctt gat gcc tcg atg ctt gag ctt aga ccg agt gaa acc gaa gct	1259
Asp Leu Asp Ala Ser Met Leu Glu Leu Arg Pro Ser Glu Thr Glu Ala	
385 390 395 400	
gtg gcg gtt aac tct gtt ttc gag ctc cac aag ctc cta ggc cgt acc	1307
Val Ala Val Asn Ser Val Phe Glu Leu His Lys Leu Leu Gly Arg Thr	
405 410 415	
ggg ggg ata gag aaa gtc ttc ggc gtt gtg aaa cag att aaa ccg gtg	1355
Gly Gly Ile Glu Lys Val Phe Gly Val Val Lys Gln Ile Lys Pro Val	
420 425 430	
att ttc acg gtt gtt gag caa gaa tcg aat cat aac ggt ccg gtt ttc	1403
Ile Phe Thr Val Val Glu Gln Glu Ser Asn His Asn Gly Pro Val Phe	
435 440 445	
tta gac cgg ttt act gaa tcg ctg cat tat tat tcg acg ttg ttt gat	1451
Leu Asp Arg Phe Thr Glu Ser Leu His Tyr Tyr Ser Thr Leu Phe Asp	
450 455 460	
tcc ttg gaa ggt gct ccg agt agc caa gat aaa gtt atg tcg gaa gtt	1499
Ser Leu Glu Gly Ala Pro Ser Ser Gln Asp Lys Val Met Ser Glu Val	
465 470 475 480	
tat tta ggg aaa cag att tgc aat ctg gtg gct tgc gaa ggt ccg gac	1547
Tyr Leu Gly Lys Gln Ile Cys Asn Leu Val Ala Cys Glu Gly Pro Asp	
485 490 495	
cgt gtt gag aga cat gag acg ctg agt caa tgg tcg aac cgg ttc ggt	1595
Arg Val Glu Arg His Glu Thr Leu Ser Gln Trp Ser Asn Arg Phe Gly	
500 505 510	
tcg tcc ggt ttt gcg ccg gcg cat ctc ggg tct aac gcg ttt aag caa	1643
Ser Ser Gly Phe Ala Pro Ala His Leu Gly Ser Asn Ala Phe Lys Gln	
515 520 525	
gcg agt acg ctt ttg gct ttg ttt aat gga ggc gaa ggt tat cgt gtg	1691
Ala Ser Thr Leu Leu Ala Leu Phe Asn Gly Gly Glu Gly Tyr Arg Val	
530 535 540	
gag gag aat aat ggg tgt ttg atg ttg agt tgg cac act cga ccg ctc	1739
Glu Glu Asn Asn Gly Cys Leu Met Leu Ser Trp His Thr Arg Pro Leu	
545 550 555 560	
ata acc acc tcc gct tgg aag ctc tcg gcg gtg cac tga g	1779
Ile Thr Thr Ser Ala Trp Lys Leu Ser Ala Val His	
565 570	

THIS PAGE BLANK (USPTO)

<210> 2
 <211> 572
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

<400> 2

Met	Lys	Arg	Asp	Leu	His	Gln	Phe	Gln	Gly	Pro	Asn	His	Gly	Thr	Ser	1	5	10	15
Ile	Ala	Gly	Ser	Ser	Thr	Ser	Ser	Pro	Ala	Val	Phe	Gly	Lys	Asp	Lys	20	25	30	
Met	Met	Met	Val	Lys	Glu	Glu	Glu	Asp	Asp	Glu	Leu	Leu	Gly	Val	Leu	35	40	45	
Gly	Tyr	Lys	Val	Arg	Ser	Ser	Glu	Met	Ala	Glu	Val	Ala	Leu	Lys	Leu	50	55	60	
Glu	Gln	Leu	Glu	Thr	Met	Met	Gly	Asn	Ala	Gln	Glu	Asp	Gly	Leu	Ala	65	70	75	80
His	Leu	Ala	Thr	Asp	Thr	Val	His	Tyr	Asn	Pro	Ala	Glu	Leu	Tyr	Ser	85	90	95	
Trp	Leu	Asp	Asn	Met	Leu	Thr	Glu	Leu	Asn	Pro	Pro	Ala	Ala	Thr	Thr	100	105	110	
Gly	Ser	Asn	Ala	Leu	Asn	Pro	Glu	Ile	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Ser	115	120	125	
Phe	Phe	Thr	Gly	Gly	Asp	Leu	Lys	Ala	Ile	Pro	Gly	Asn	Ala	Val	Cys	130	135	140	
Arg	Arg	Ser	Asn	Gln	Phe	Ala	Phe	Ala	Val	Asp	Ser	Ser	Ser	Asn	Lys	145	150	155	160
Arg	Leu	Lys	Pro	Ser	Ser	Ser	Pro	Asp	Ser	Met	Val	Thr	Ser	Pro	Ser	165	170	175	
Pro	Ala	Gly	Val	Ile	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Thr	Val	Thr	Glu	Ser	Thr	180	185	190	
Arg	Pro	Leu	Ile	Leu	Val	Asp	Ser	Gln	Asp	Asn	Gly	Val	Arg	Leu	Val	195	200	205	
His	Ala	Leu	Met	Ala	Cys	Ala	Glu	Ala	Val	Gln	Ser	Ser	Asn	Leu	Thr	210	215	220	
Leu	Ala	Glu	Ala	Leu	Val	Lys	Gln	Ile	Gly	Phe	Leu	Ala	Val	Ser	Gln	225	230	235	240
Ala	Gly	Ala	Met	Arg	Lys	Val	Ala	Thr	Tyr	Phe	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	245	250	255	
Arg	Arg	Ile	Tyr	Arg	Leu	Ser	Pro	Pro	Gln	Thr	Gln	Ile	Asp	His	Ser	260	265	270	
Leu	Ser	Asp	Thr	Leu	Gln	Met	His	Phe	Tyr	Glu	Thr	Cys	Pro	Tyr	Leu	275	280	285	

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Lys Phe Ala His Phe Thr Ala Asn Gln Ala Ile Leu Glu Ala Phe Glu
 290 295 300
 Gly Lys Lys Arg Val His Val Ile Asp Phe Ser Met Asn Gln Gly Leu
 305 310 315 320
 Gln Trp Pro Ala Leu Met Gln Ala Leu Ala Leu Arg Glu Gly Gly Pro
 325 330 335
 Pro Ser Phe Arg Leu Thr Gly Ile Gly Pro Pro Ala Ala Asp Asn Ser
 340 345 350
 Asp His Leu His Glu Val Gly Cys Lys Leu Ala Gln Leu Ala Glu Ala
 355 360 365
 Ile His Val Glu Phe Glu Tyr Arg Gly Phe Val Ala Asn Ser Leu Ala
 370 375 380
 Asp Leu Asp Ala Ser Met Leu Glu Leu Arg Pro Ser Glu Thr Glu Ala
 385 390 395 400
 Val Ala Val Asn Ser Val Phe Glu Leu His Lys Leu Leu Gly Arg Thr
 405 410 415
 Gly Gly Ile Glu Lys Val Phe Gly Val Val Lys Gln Ile Lys Pro Val
 420 425 430
 Ile Phe Thr Val Val Glu Gln Glu Ser Asn His Asn Gly Pro Val Phe
 435 440 445
 Leu Asp Arg Phe Thr Glu Ser Leu His Tyr Tyr Ser Thr Leu Phe Asp
 450 455 460
 Ser Leu Glu Gly Ala Pro Ser Ser Gln Asp Lys Val Met Ser Glu Val
 465 470 475 480
 Tyr Leu Gly Lys Gln Ile Cys Asn Leu Val Ala Cys Glu Gly Pro Asp
 485 490 495
 Arg Val Glu Arg His Glu Thr Leu Ser Gln Trp Ser Asn Arg Phe Gly
 500 505 510
 Ser Ser Gly Phe Ala Pro Ala His Leu Gly Ser Asn Ala Phe Lys Gln
 515 520 525
 Ala Ser Thr Leu Leu Ala Leu Phe Asn Gly Gly Glu Gly Tyr Arg Val
 530 535 540
 Glu Glu Asn Asn Gly Cys Leu Met Leu Ser Trp His Thr Arg Pro Leu
 545 550 555 560
 Ile Thr Thr Ser Ala Trp Lys Leu Ser Ala Val His
 565 570

<210> 3

<211> 1779

<212> ADN

<213> Brassica napus

THIS PAGE BLANK (USPTO)

<220>

<221> CDS

<222> (60)..(1778)

<400> 3

```

caaccagaa caaaaccaga ccgatctgag agattaacta tatcttaacc agatcagaa 59

atg aag agg gat ctt cat cag ttc caa ggt ccc aac cac ggg aca tca 107
Met Lys Arg Asp Leu His Gln Phe Gln Gly Pro Asn His Gly Thr Ser
  1             5             10             15

atc gcc ggt tct tcc act tct tcc cct gcg gtg ttt ggt aaa gac aag 155
Ile Ala Gly Ser Ser Thr Ser Ser Pro Ala Val Phe Gly Lys Asp Lys
             20             25             30

atg atg atg gtc aaa gaa gaa gaa gac gac gag ctt cta gga gtc ttg 203
Met Met Met Val Lys Glu Glu Glu Asp Asp Glu Leu Leu Gly Val Leu
             35             40             45

ggt tac aag gtt agg tct tcg gag atg gct gag gtt gcg ttg aaa ctc 251
Gly Tyr Lys Val Arg Ser Ser Glu Met Ala Glu Val Ala Leu Lys Leu
             50             55             60

gag cag ctt gag acg atg atg ggt aac gct caa gaa gac ggt tta gct 299
Glu Gln Leu Glu Thr Met Met Gly Asn Ala Gln Glu Asp Gly Leu Ala
             65             70             75             80

cac ctc gcg acg gat act gtt cat tac aac ccc gct gag ctt tac tcg 347
His Leu Ala Thr Asp Thr Val His Tyr Asn Pro Ala Glu Leu Tyr Ser
             85             90             95

tgg ctt gat aac atg ctc acg gag ctt aac cca ccc gct gca acg acc 395
Trp Leu Asp Asn Met Leu Thr Glu Leu Asn Pro Pro Ala Ala Thr Thr
             100             105             110

gga tct aac gct ttg aac ccg gag att aat aat aat aat aac tcg 443
Gly Ser Asn Ala Leu Asn Pro Glu Ile Asn Asn Asn Asn Asn Ser
             115             120             125

ttt ttc acc gga ggc gac ctc aaa gcg att cct gga aac gcg gtt tgt 491
Phe Phe Thr Gly Gly Asp Leu Lys Ala Ile Pro Gly Asn Ala Val Cys
             130             135             140

cgc aga tct aat cag ttc gcg ttt gcg gtt gat tcg tcg agt aat aag 539
Arg Arg Ser Asn Gln Phe Ala Phe Ala Val Asp Ser Ser Ser Asn Lys
             145             150             155             160

cgt ttg aaa ccg tcc tcg agc cct gat tcg atg gtt aca tct cca tca 587
Arg Leu Lys Pro Ser Ser Ser Pro Asp Ser Met Val Thr Ser Pro Ser
             165             170             175

cct gct gga gtt ata gga acg acg gtt aca acc gtg acc gag tca act 635
Pro Ala Gly Val Ile Gly Thr Thr Val Thr Thr Val Thr Glu Ser Thr
             180             185             190

cgt cct tta atc ctg gtc gac tcg cag gac aac gga gtg cgt cta gtc 683
Arg Pro Leu Ile Leu Val Asp Ser Gln Asp Asn Gly Val Arg Leu Val
             195             200             205

```

THIS PAGE BLANK (USPTO)

cac gcg ctt atg gcc tgc gct gaa gcc gtg cag agc agc aac ttg act	731
His Ala Leu Met Ala Cys Ala Glu Ala Val Gln Ser Ser Asn Leu Thr	
210 215 220	
cta gcg gag gct ctc gtt aag cag att ggt ttc ttg gcc gtc tct caa	779
Leu Ala Glu Ala Leu Val Lys Gln Ile Gly Phe Leu Ala Val Ser Gln	
225 230 235 240	
gcc gga gcc atg agg aaa gtc gcc acg tac ttc gcc gaa gct ctc gcg	827
Ala Gly Ala Met Arg Lys Val Ala Thr Tyr Phe Ala Glu Ala Leu Ala	
245 250 255	
cgg agg atc tac cgc ctc tct ccg ccg cag acg cag atc gat cac tct	875
Arg Arg Ile Tyr Arg Leu Ser Pro Pro Gln Thr Gln Ile Asp His Ser	
260 265 270	
tta tcc gat act ctc cag atg cac ttc tac gag act tgc cct tac ctc	923
Leu Ser Asp Thr Leu Gln Met His Phe Tyr Glu Thr Cys Pro Tyr Leu	
275 280 285	
aag ttc gct cac ttc acg gcg aat cag gcg att ctc gag gct ttc gaa	971
Lys Phe Ala His Phe Thr Ala Asn Gln Ala Ile Leu Glu Ala Phe Glu	
290 295 300	
ggg aag aag aga gtc cac gtc atc gat ttc tcg atg aac caa ggg ctt	1019
Gly Lys Lys Arg Val His Val Ile Asp Phe Ser Met Asn Gln Gly Leu	
305 310 315 320	
cag tgg ccc gcg ctt atg caa gcc ctt gcg ttg agg gaa gga ggt cct	1067
Gln Trp Pro Ala Leu Met Gln Ala Leu Ala Leu Arg Glu Gly Gly Pro	
325 330 335	
ccg agt ttc agg tta acc gga att ggt cct ccc gcg gcg gat aac tcc	1115
Pro Ser Phe Arg Leu Thr Gly Ile Gly Pro Pro Ala Ala Asp Asn Ser	
340 345 350	
gat cat ctc cat gaa gtt gga tgt aag ttg gct cag ctc gcg gag gcg	1163
Asp His Leu His Glu Val Gly Cys Lys Leu Ala Gln Leu Ala Glu Ala	
355 360 365	
att cac gtc gag ttt gag tat cgt ggc ttt gtt gct aat agc tta gct	1211
Ile His Val Glu Phe Glu Tyr Arg Gly Phe Val Ala Asn Ser Leu Ala	
370 375 380	
gat ctt gat gcc tcg atg ctt gag ctt aga ccg agt gaa acc gaa gct	1259
Asp Leu Asp Ala Ser Met Leu Glu Leu Arg Pro Ser Glu Thr Glu Ala	
385 390 395 400	
gtg gcg gtt aac tct gtt ttc gag ctc cac aag ctc cta ggc cgt acc	1307
Val Ala Val Asn Ser Val Phe Glu Leu His Lys Leu Leu Gly Arg Thr	
405 410 415	
ggg ggg ata gag aaa gtc ttc ggc gtt gtg aaa cag att aaa ccg gtg	1355
Gly Gly Ile Glu Lys Val Phe Gly Val Val Lys Gln Ile Lys Pro Val	
420 425 430	
att ttc acg gtt gtt gag caa gaa tcg aat cat aac ggt ccg gtt ttc	1403
Ile Phe Thr Val Val Glu Gln Glu Ser Asn His Asn Gly Pro Val Phe	
435 440 445	

THIS PAGE BLANK (USPTO)

tta gac cgg ttt act gaa tcg ctg cat tat tat tcg acg ttg ttt gat 1451
 Leu Asp Arg Phe Thr Glu Ser Leu His Tyr Tyr Ser Thr Leu Phe Asp
 450 455 460

tcc ttg gaa ggt gct ccg agt agc caa gat aaa gtt atg tcg gaa gtt 1499
 Ser Leu Glu Gly Ala Pro Ser Ser Gln Asp Lys Val Met Ser Glu Val
 465 470 475 480

tat tta ggg aaa cag att tgc aat ctg gtg gct tgc gaa ggt ccg gac 1547
 Tyr Leu Gly Lys Gln Ile Cys Asn Leu Val Ala Cys Glu Gly Pro Asp
 485 490 495

cgt gtt gag aga cat gag acg ctg agt caa tgg tcg aac cgg ttc ggt 1595
 Arg Val Glu Arg His Glu Thr Leu Ser Gln Trp Ser Asn Arg Phe Gly
 500 505 510

tcg tcc ggt ttt gcg ccg gcg cat ctc ggg tct aac gcg ttt aag caa 1643
 Ser Ser Gly Phe Ala Pro Ala His Leu Gly Ser Asn Ala Phe Lys Gln
 515 520 525

gcg agt acg ctt ttg gct ttg ttt aat gga ggc gaa ggt tat cgt gtg 1691
 Ala Ser Thr Leu Leu Ala Leu Phe Asn Gly Gly Glu Gly Tyr Arg Val
 530 535 540

gag aag aat aat ggg tgt ttg atg ttg agt tgg cac act cga ccg ctc 1739
 Glu Lys Asn Asn Gly Cys Leu Met Leu Ser Trp His Thr Arg Pro Leu
 545 550 555 560

ata acc acc tcc gct tgg aag ctc tcg gcg gtg cac tga g 1779
 Ile Thr Thr Ser Ala Trp Lys Leu Ser Ala Val His
 565 570

<210> 4

<211> 572

<212> PRT

<213> Brassica napus

<400> 4

Met Lys Arg Asp Leu His Gln Phe Gln Gly Pro Asn His Gly Thr Ser
 1 5 10 15

Ile Ala Gly Ser Ser Thr Ser Ser Pro Ala Val Phe Gly Lys Asp Lys
 20 25 30

Met Met Met Val Lys Glu Glu Glu Asp Asp Glu Leu Leu Gly Val Leu
 35 40 45

Gly Tyr Lys Val Arg Ser Ser Glu Met Ala Glu Val Ala Leu Lys Leu
 50 55 60

Glu Gln Leu Glu Thr Met Met Gly Asn Ala Gln Glu Asp Gly Leu Ala
 65 70 75 80

His Leu Ala Thr Asp Thr Val His Tyr Asn Pro Ala Glu Leu Tyr Ser
 85 90 95

Trp Leu Asp Asn Met Leu Thr Glu Leu Asn Pro Pro Ala Ala Thr Thr
 100 105 110

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Gly Ser Asn Ala Leu Asn Pro Glu Ile Asn Asn Asn Asn Asn Asn Ser
 115 120 125
 Phe Phe Thr Gly Gly Asp Leu Lys Ala Ile Pro Gly Asn Ala Val Cys
 130 135 140
 Arg Arg Ser Asn Gln Phe Ala Phe Ala Val Asp Ser Ser Ser Asn Lys
 145 150 155 160
 Arg Leu Lys Pro Ser Ser Ser Pro Asp Ser Met Val Thr Ser Pro Ser
 165 170 175
 Pro Ala Gly Val Ile Gly Thr Thr Val Thr Thr Val Thr Glu Ser Thr
 180 185 190
 Arg Pro Leu Ile Leu Val Asp Ser Gln Asp Asn Gly Val Arg Leu Val
 195 200 205
 His Ala Leu Met Ala Cys Ala Glu Ala Val Gln Ser Ser Asn Leu Thr
 210 215 220
 Leu Ala Glu Ala Leu Val Lys Gln Ile Gly Phe Leu Ala Val Ser Gln
 225 230 235 240
 Ala Gly Ala Met Arg Lys Val Ala Thr Tyr Phe Ala Glu Ala Leu Ala
 245 250 255
 Arg Arg Ile Tyr Arg Leu Ser Pro Pro Gln Thr Gln Ile Asp His Ser
 260 265 270
 Leu Ser Asp Thr Leu Gln Met His Phe Tyr Glu Thr Cys Pro Tyr Leu
 275 280 285
 Lys Phe Ala His Phe Thr Ala Asn Gln Ala Ile Leu Glu Ala Phe Glu
 290 295 300
 Gly Lys Lys Arg Val His Val Ile Asp Phe Ser Met Asn Gln Gly Leu
 305 310 315 320
 Gln Trp Pro Ala Leu Met Gln Ala Leu Ala Leu Arg Glu Gly Gly Pro
 325 330 335
 Pro Ser Phe Arg Leu Thr Gly Ile Gly Pro Pro Ala Ala Asp Asn Ser
 340 345 350
 Asp His Leu His Glu Val Gly Cys Lys Leu Ala Gln Leu Ala Glu Ala
 355 360 365
 Ile His Val Glu Phe Glu Tyr Arg Gly Phe Val Ala Asn Ser Leu Ala
 370 375 380
 Asp Leu Asp Ala Ser Met Leu Glu Leu Arg Pro Ser Glu Thr Glu Ala
 385 390 395 400
 Val Ala Val Asn Ser Val Phe Glu Leu His Lys Leu Leu Gly Arg Thr
 405 410 415
 Gly Gly Ile Glu Lys Val Phe Gly Val Val Lys Gln Ile Lys Pro Val
 420 425 430

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Ile Phe Thr Val Val Glu Gln Glu Ser Asn His Asn Gly Pro Val Phe
435 440 445

Leu Asp Arg Phe Thr Glu Ser Leu His Tyr Tyr Ser Thr Leu Phe Asp
450 455 460

Ser Leu Glu Gly Ala Pro Ser Ser Gln Asp Lys Val Met Ser Glu Val
465 470 475 480

Tyr Leu Gly Lys Gln Ile Cys Asn Leu Val Ala Cys Glu Gly Pro Asp
485 490 495

Arg Val Glu Arg His Glu Thr Leu Ser Gln Trp Ser Asn Arg Phe Gly
500 505 510

Ser Ser Gly Phe Ala Pro Ala His Leu Gly Ser Asn Ala Phe Lys Gln
515 520 525

Ala Ser Thr Leu Leu Ala Leu Phe Asn Gly Gly Glu Gly Tyr Arg Val
530 535 540

Glu Lys Asn Asn Gly Cys Leu Met Leu Ser Trp His Thr Arg Pro Leu
545 550 555 560

Ile Thr Thr Ser Ala Trp Lys Leu Ser Ala Val His
565 570

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internat. J Application No

PCT/FR 00/02216

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 C12N15/82 C07K14/415 A01H5/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C12N C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, BIOSIS, CHEM ABS Data, STRAND

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 97 29123 A (INNES JOHN CENTRE INNOV LTD ;HARBERD NICHOLAS PAUL (GB); PENG JINR) 14 August 1997 (1997-08-14) cited in the application the whole document	1,5-8
X	WO 99 09174 A (HARBERD NICHOLAS PAUL ;PENG JINRONG (GB); PLANT BIOSCIENCE LIMITED) 25 February 1999 (1999-02-25) the whole document	1,5-8

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance: the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance: the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *S* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

28 November 2000

Date of mailing of the international search report

04/12/2000

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Oderwald, H

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internat. J Application No
PCT/FR 00/02216

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>TROUNG ET AL: "Sequence and characterization of two Arabidopsis thaliana cDNAs isolated by functional complementation of a yeast gln3 gdh1 mutant"</p> <p>FEBS LETTERS, vol. 410, 1 June 1997 (1997-06-01), pages 213-218, XP002088384 ISSN: 0014-5793 the whole document</p>	1,5-7
X	<p>-----</p> <p>DATABASE TREMBL 'Online! EMBL Heidelberg, Germany; AC/ID 065367, 1 August 1998 (1998-08-01) MAY M J: "Cloning of the Arabidopsis thaliana RGA-like gene, a putative member of the VHIID domain transcription factor family" XP002135004 abstract</p>	1,5-7
A	<p>-----</p> <p>FOISSET N ET AL.: "Molecular tagging of the dwarf BREIZH (Bzh) gene in Brassica napus"</p> <p>THEORETICAL AND APPLIED GENETICS, vol. 91, no. 5, October 1995 (1995-10), pages 756-761, XP000901048 cited in the application the whole document</p> <p>-----</p>	1-8

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

information on patent family members

Internat. Appl. No.

PCT/FR 00/02216

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9729123 A	14-08-1997	AU 723363 B	24-08-2000
		AU 1799697 A	28-08-1997
		CA 2244229 A	14-08-1997
		CN 1228784 A	15-09-1999
		EP 0904290 A	31-03-1999
		JP 2000505290 T	09-05-2000
WO 9909174 A	25-02-1999	AU 8737098 A	08-03-1999
		EP 1003868 A	31-05-2000

THIS PAGE BLANK (USPTO)

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale No

PCT/FR 00/02216

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE

CIB 7 C12N15/82 C07K14/415 A01H5/00

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)

CIB 7 C12N C07K

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, BIOSIS, CHEM ABS Data, STRAND

C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	WO 97 29123 A (INNES JOHN CENTRE INNOV LTD ; HARBERD NICHOLAS PAUL (GB); PENG JINR) 14 août 1997 (1997-08-14) cité dans la demande le document en entier	1,5-8
X	WO 99 09174 A (HARBERD NICHOLAS PAUL ; PENG JINRONG (GB); PLANT BIOSCIENCE LIMITED) 25 février 1999 (1999-02-25) le document en entier	1,5-8

☒ Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents

☒ Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

* Catégories spéciales de documents cités:

- *A* document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent
- *E* document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date
- *L* document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)
- *O* document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens
- *P* document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

- *T* document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention
- *X* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément
- *Y* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier
- *Z* document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

28 novembre 2000

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

04/12/2000

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale

Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

Oderwald, H

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demanc. .ternationale No

PCT/FR 00/02216

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	<p>TROUNG ET AL: "Sequence and characterization of two Arabidopsis thaliana cDNAs isolated by functional complementation of a yeast gln3 gdh1 mutant"</p> <p>FEBS LETTERS, vol. 410, 1 juin 1997 (1997-06-01), pages 213-218, XP002088384 ISSN: 0014-5793 le document en entier</p>	1,5-7
X	<p>DATABASE TREMBL 'en ligne! EMBL Heidelberg, Germany; AC/ID 065367, 1 août 1998 (1998-08-01) MAY M J: "Cloning of the Arabidopsis thaliana RGA-like gene, a putative member of the VHIID domain transcription factor family" XP002135004 abrégé</p>	1,5-7
A	<p>FOISSET N ET AL.: "Molecular tagging of the dwarf BREIZH (Bzh) gene in Brassica napus"</p> <p>THEORETICAL AND APPLIED GENETICS, vol. 91, no. 5, octobre 1995 (1995-10), pages 756-761, XP000901048 cité dans la demande le document en entier</p>	1-8

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

Demande internationale No

PCT/FR 00/02216

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
W0 9729123 A	14-08-1997	AU 723363 B	24-08-2000
		AU 1799697 A	28-08-1997
		CA 2244229 A	14-08-1997
		CN 1228784 A	15-09-1999
		EP 0904290 A	31-03-1999
		JP 2000505290 T	09-05-2000
W0 9909174 A	25-02-1999	AU 8737098 A	08-03-1999
		EP 1003868 A	31-05-2000

THIS PAGE BLANK (USPTO